

Popularnonaukowe streszczenie projektu

Regulacja ekspresji genów jest skomplikowanym procesem, opartym na koordynacji wielu różnych szlaków, w tym epigenetycznej kontroli kondensacji chromatyny, transkrypcji, obróbce RNA (modyfikacja 5' końca mRNA, splicing, poliadenylacja), eksporcie dojrzałych transkryptów do cytoplazmy oraz syntezie białka. W ostatnich latach, wraz z rozwojem technik głębokiego sekwencjonowania, a w związku z tym wykryciem wielu nowych modyfikacji RNA, odkryto nowe ścieżki regulacji ekspresji informacji genetycznej.

Do tej pory zidentyfikowano ponad 150 różnych typów modyfikacji RNA. Większość z nich, takie jak N6-metyloadenozyna (m⁶A) i pseudourydyna (Ψ), została pierwotnie wykryta w występujących na wysokim poziomie strukturalnych RNA: rRNA (rybosomalne RNA), tRNA (transferowe RNA) i snRNA (małe jądrowe RNA). Obecne metody dają możliwość identyfikacji nowych typów modyfikacji i ich dokładnej lokalizacji nie tylko w ekspresjonowanych na wysokim poziomie cząsteczkach RNA, ale także w mRNA i małych RNA (18-30 nt). Nasze dane potwierdzają występowanie pseudourydyny w małych RNA zarówno u roślin jak i w komórkach zwierzęcych. Nie jest jednak jasne, w jaki sposób oraz na którym etapie biogenezy dochodzi do tej modyfikacji, a także jaka jest funkcja pseudourydyny w tych krótkich cząsteczkach RNA. Nasza hipoteza zakłada, że konwersja urydyny do pseudourydyny może zachodzić zaraz po lub w czasie transkrypcji i jest ona ważna dla prawidłowego transportu małych RNA, szczególnie w komórkach generatywnych. W celu potwierdzenia naszych założeń zamierzamy skorzystać zarówno z technik wysokoprzepustowego sekwencjonowania jak i nowoczesnych i precyzyjnych technik identyfikacji czynników zaangażowanych w modyfikację RNA.

Efektom przeprowadzonych badań będzie znaczne poszerzenie wiedzy na temat powstawania i działania małych RNA a także poznanie nowych mechanizmów odpowiedzialnych za dziedziczenie epigenetyczne u roślin.